

#11

Reference molecule:		Cs1seq	206 -	2603	(2398 bps)	Homology
Sequence 2:	Kukkaseq		48 -	2445	(2398 bps)	94%
Sequence 3:	Ds4seq		2 -	2399	(2398 bps)	94%
Sequence 4:	2301SEQ		1 -	2398	(2398 bps)	94%
Sequence 5:	390seq		3 -	2181	(2179 bps)	85%
Sequence 6:	H. felis com		43 -	2475	(2433 bps)	67%
Sequence 7:	H. pylori com		2659 -	5088	(2430 bps)	67%
Sequence 8:	H. heilmanni		211 -	2636	(2426 bps)	68%

Alignment type: Global DNA
Parameters: Mismatch 1; Open Gap 3; Extend Gap 3

Cs1seq	(206)	gtgaactcacaccacaagaagcagaagaagtcttctgttatatatatgcggygcgaagtgtgtagaagcgcaagcagagggcttaagctcaaccgaagccattgtctacattagt
Kukkaseq	(48)
Ds4seq	(2)
2301SEQ	(1)
390seq	(3)
H. felis com	(43)
H. pylori co	(2659)
H. heilmanni	(211)
Cs1seq	(326)	gcccatattatgtgacgaagcgccgcgtgtgaaanaaacccgttgcacagcttatgtgaagagtgcacacattttgaaaaaagatgaagtaatcccggtgtgttaatatgttccgat
Kukkaseq	(168)
Ds4seq	(122)
2301SEQ	(121)
390seq	(123)
H. felis com	(163)
H. pylori co	(2779)
H. heilmanni	(331)
Cs1seq	(446)	ctaggtgtgaagaagccaccttccctgatgtgacgaactgtgaactgtgaattggtcccatcgacacccagatgagcacttccaagcggtggaagtgaattgtgtgcgataaagacatcgag
Kukkaseq	(288)
Ds4seq	(242)
2301SEQ	(241)
390seq	(243)
H. felis com	(283)
H. pylori co	(2899)
H. heilmanni	(451)
Cs1seq	(566)	ctcaatgcaggaagaagtaaacccgaacttgaggttactaagaagggcctaataatccttgacatgtgtgtgaagccattccacttcttgaagcacaaggaagcactaataatcgatcgtaga
Kukkaseq	(408)
Ds4seq	(362)
2301SEQ	(361)
390seq	(363)
H. felis com	(400)
H. pylori co	(3016)
H. heilmanni	(571)

Figure 1a (1)

11/15/99

ALIGNED SEQUENCES

Reference molecule:	ureXCS1	1 -	226	(226 aa)	Homology
Sequence 2:	ureXkuka	1 -	226	(226 aa)	100%
Sequence 3:	ureXDS4	1 -	226	(226 aa)	99%
Sequence 4:	ureX2301	1 -	226	(226 aa)	99%
Sequence 5:	ureX390	1 -	226	(226 aa)	99%
Sequence 6:	A felis	1 -	237	(237 aa)	50%
Sequence 7:	A pylori	1 -	238	(238 aa)	52%
Sequence 8:	A heilman	1 -	234	(234 aa)	54%

Alignment type: Global Protein
Parameters: Mismatch 2; Open Gap 4; Extend Gap 1; Conserv N

```
ureXCS1      ( 1) vkiptkegektliyyagevarrkraeglklngeaiaiyisahimdearrgkktvraqlmeecmhflkkdevmpgvgnmvpdlgveatfpdgtklvtvnpiepdenhkagevfkfgcdkdie
ureXkuka      ( 1) .....
ureXDS4      ( 1) .....
ureX2301      ( 1) .....
ureX390      ( 1) .....
A felis      ( 1) .....
A pylori      ( 1) .....
A heilman      ( 1) .....
ureXCS1      ( 121) lnagkevelevtnegpkslhvgsfhffeanaklkfdrekaygkridipsnrlrigagqtrkvqdliplgsgskvigmnglvniaderhkhaldkaksngfi-----k
ureXkuka      ( 121) .....
ureXDS4      ( 121) .....
ureX2301      ( 121) .....
ureX390      ( 121) .....
A felis      ( 120) i..V..ais.k.k.k.drpvg.....V..l.d..a.sfc.....a..tav.fep.eeks.e..di..n.riv.f.s.drg..adg.klg.kr..ek..gsvmgeatkd-k-q
A pylori      ( 120) i..e..kavsvk.k.v.drpvgl.....v.rc.d.....tf.....a..tav.fep.eeks.e..di..n.ril.f.a.drg..nes.ki..ht..er..hgaksdndnyktike
A heilman      ( 121) .....havq.k.k.k.drpvg.....v..l.d.....a..tav.fep.eekt.e..di..n.riv.f.a.drg..hdg.kl..kr..ekh.gtlncgcdn-----
```

Figure 1b

ALIGNED SEQUENCES

Reference molecule:	ureyCS1	1 -	568	(568 aa)	Homology
Sequence 2:	ureyKuka	1 -	568	(568 aa)	99%
Sequence 3:	ureyDS4	1 -	568	(568 aa)	98%
Sequence 4:	urey7301	1 -	568	(568 aa)	98%
Sequence 5:	urey390	1 -	496	(496 aa)	86%
Sequence 6:	B felis	1 -	569	(569 aa)	73%
Sequence 7:	B pylori	1 -	569	(569 aa)	73%
Sequence 8:	B heilman	1 -	568	(568 aa)	74%

Alignment type: Global Protein
Parameters: Mismatch 2; Open Gap 4; Extend Gap 1; Conserv N

```

ureyCS1      ( 1) mkmkqg-eyvntypbtkgdkvrlgdtcdlwaevendyttygeelkfagaktiregmqgsnspdentldlvi tnamldtygiykadigi knqkingigkagnkdmqgdvspimvvgvtgea
ureykuka     ( 1) - - - - -
ureyDS4      ( 1) - - - - -
urey2301     ( 1) - - - - -
urey390      ( 1) - - - - -
B felis      ( 1) . kisk. sm. t. r. . . . . l. . . . . c. . . . . l. g. . . . . d. s. t. ssye. . . . . l. l. v. . . . . d. n. i. c. d. n. i. c. pa.
B pylori     ( 1) . kisk. sm. t. . . . . i. . . . . l. . . . . c. . . . . l. g. . . . . d. . . . . t. . . . . sshe. . . . . l. v. . . . . i. . . . . cnric. pa.
B heilman    ( 1) . . . . . kisk. sm. . . . . t. . . . . c. . . . . i. . . . . l. . . . . g. . . . . d. . . . . t. . . . . sshe. . . . . l. v. . . . . i. . . . . cnric. pa.
ureyCS1      ( 120) lsgemgmitaaggidshtbflspqgfpfcalangvtmtfgyggtcgvpgvdtgnatctipgkwnlhmlraaeeysmvngflgknssskqglveqveagaigfklhedwgtpsaidhcls Wade
ureykuka     ( 120) . . . . .
ureyDS4      ( 120) . . . . .
urey2301     ( 120) . . . . .
urey390      ( 120) . . . . .
B felis      ( 121) . a. l. v. . . . . t. i. l. . . . . i. f. s. . . . . l. . . . . a. . . . . ra. ks. . . . . a. l. . . . . a. v. yeps. id. l. . . . . i. . . . . s. a. h. n. . . . .
B pylori     ( 121) . l. v. . . . . t. i. l. . . . . i. f. s. . . . . l. . . . . a. . . . . tr. kw. . . . . a. l. . . . . a. a. das. ad. l. . . . . i. . . . . n. a. d. k. . . . .
B heilman    ( 121) . . . . . a. l. v. . . . . t. i. l. . . . . i. f. s. . . . . l. . . . . a. . . . . r. ke. . . . . s. a. l. y. . . . . v. fepa. id. l. . . . . i. . . . . s. . . . . n. a. n. l. k. . . . .
ureyCS1      ( 240) ydvqvcitdtvneagyvddtlnanmgzahnayhiegagggnspdvitmagelnlpsttptipyrntvzahnldmlmtchidkikritrediqfsgsriipgsiaaedvlnhdgviamts
ureykuka     ( 240) . . . . .
ureyDS4      ( 240) . . . . .
urey2301     ( 240) . . . . .
urey390      ( 240) . . . . .
B felis      ( 241) . . . . . a. . . . . l. . . . . c. e. e. i. a. t. t. f. t. . . . . a. . . . . k. . . . . f. a. n. . . . . f. k. e. m. . . . . v. . . . . s. k. v. ad. . . . . q. t. . . . . q. . . . . i. f. s. i. . . . .
B pylori     ( 241) . . . . . a. . . . . l. . . . . c. e. e. i. a. t. t. f. t. . . . . a. . . . . k. . . . . f. a. n. . . . . f. k. e. m. . . . . v. . . . . s. k. v. ad. . . . . q. t. . . . . k. . . . . i. f. s. i. . . . .
B heilman    ( 241) . . . . . a. . . . . l. . . . . c. e. e. i. a. t. t. f. t. . . . . a. . . . . k. . . . . f. a. n. . . . . f. k. e. m. . . . . v. . . . . n. k. v. e. ad. . . . . q. t. . . . . k. . . . . i. f. s. i. . . . .
ureyCS1      ( 360) sdsqamgragevlpwtgtadknkkefgklpedgkdnndfrilkrisykyltnpalthgvsseyigsveegkiadl vwmnpafgfvbpkivi kgmnmvfsemgdshnasvptcpqpyyremfg
ureykuka     ( 360) . . . . . a. . . . .
ureyDS4      ( 360) . . . . . sa. . . . .
urey2301     ( 360) . . . . . a. . . . .
urey390      ( 360) . . . . . a. . . . .
B felis      ( 361) . . . . . r. k. ekq. . . . . g. i. a. l. d. v. . . . . v. y. . . . . l. s. . . . . i. nmi. . . . . fial. q. a. i. . . . . a. . . . .
B pylori     ( 361) . . . . . v. . . . . t. . . . . r. k. ekq. . . . . l. . . . . g. i. a. i. v. . . . . v. v. . . . . l. s. . . . . i. nmi. . . . . fial. q. a. i. . . . . a. . . . .
B heilman    ( 360) . . . . . v. . . . . t. . . . . r. ekq. . . . . i. . . . . l. . . . . i. v. . . . . v. y. . . . . l. s. . . . . i. nmi. . . . . fial. q. a. i. . . . . a. . . . .

```

Figure 1c (1)

```

ureyCS1      ( 480) hngkakfdtsicfsvskvayengvkek]gl'erqvlpvkncrnltkdkfkfindktakitvdpkctfevfvgklctskptsqyplaqrytff
ureykuka     ( 480) .....k.....n..h.....a.e.....
ureyDS4      ( 480) .....k.....n..h.....a.e.....
urey2301     ( 480) .....k.....n..h.....a.e.....
urey390      ( 480) .....ka.i..e..d.aap.....l...v..h.d.n.e.yk.k...ev...aadels...l.n].rvss
B felis      ( 481) .....n...n...ga..ka.i..e...mq...t..h.e.n.e.yh...ev...ank.s...lfsi
B pylori     ( 481) .....y.an...ga..dk.i..e.....l...v..h.e.n.e.yk.k...nev...haadkls...l.n].
B heilman    ( 480) .....n...q.....i..ne..q.v.....l...v..h.e.n.e.yk.k...nev...haadkls...l.n].

```

Figure 1c (2)

BEST AVAILABLE COPY

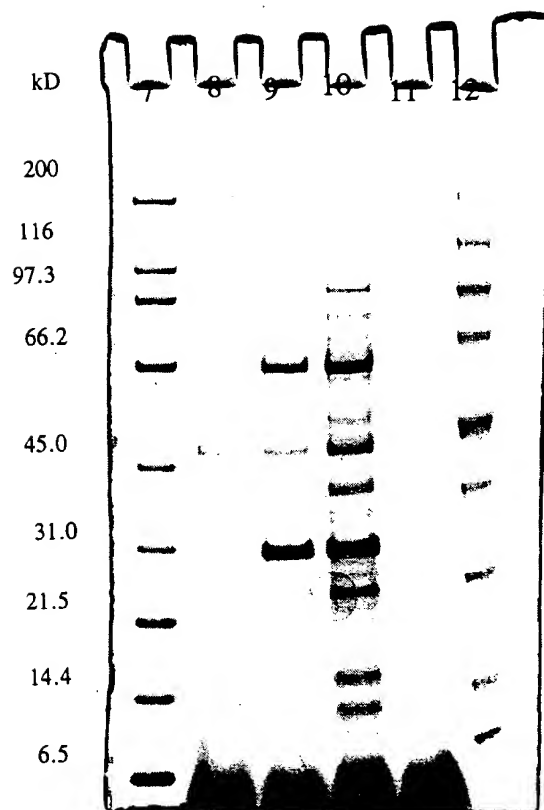


Figure 2